日本 国 特 許 JAPAN PATENT OFFICE

13 SEP 2004 12.03.03

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office

出願年月日 Date of Application:

2002年 3月15日

REC'D 0 9 MAY 2003

出願番号 Application Number:

特願2002-072931

WIPO PCT

[ST.10/C]:

[JP2002-072931]

出 願 人 Applicant(s):

株式会社ミツカングループ本社

PRIORITY DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

2003年 4月22日

特 許 庁 長 官 Commissioner, Japan Patent Office 太田信一



BEST AVAILABLE COPY

出証番号 出証特2003-3028931

特2002-072931

【書類名】

特許願

【整理番号】

6561

【提出日】

平成14年 3月15日

【あて先】

特許庁長官 殿

【発明者】

【住所又は居所】

愛知県半田市港本町2-24

【氏名】

後藤 英嗣

【発明者】

【住所又は居所】

愛知県知多郡阿久比町卯坂字坂部28

【氏名】

中野 繁

【特許出願人】

【識別番号】

398065531

【住所又は居所】

愛知県半田市中村町2丁目6番地

【氏名又は名称】

株式会社 ミツカングループ本社

【代表者】

代表取締役社長 中埜 又左工門

【代理人】

【識別番号】

100075775

【弁理士】

【氏名又は名称】

戸田 親男

【手数料の表示】

【予納台帳番号】

067287

【納付金額】

21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】

明細書 1

【物件名】

要約書 1

【物件名】

図面 1

【包括委任状番号】

9900374

【プルーフの要否】

要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 酢酸耐性に関与する遺伝子、該遺伝子を用いて育種された酢酸菌、及び該酢酸菌を用いた食酢の製造方法

【特許請求の範囲】

【請求項1】 下記の(A)、又は(B)に示すタンパク質SPT。

- (A) 配列表の配列番号2に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。
- (B)配列表の配列番号2に記載のアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質。

【請求項2】 下記の(A)、又は(B)に示すタンパク質SPTをコードする遺伝子のDNA。

- (A) 配列表の配列番号2に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。
- (B) 配列表の配列番号2に記載のアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質。

【請求項3】 下記の(a)、又は(b)に示すDNAである請求項2に記載の遺伝子のDNA。

- (a) 配列表の配列番号1に記載の塩基配列のうち、塩基番号187~138 6からなる塩基配列を含むDNA。
- (b)配列表の配列番号1に記載の塩基配列のうち、塩基番号187~1386からなる塩基配列又はその一部を有するプローブと、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ、酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質をコードするDNA。

【請求項4】 請求項2、又は請求項3に記載のDNAの細胞内のコピー数が増幅されたことにより、酢酸耐性が増強された微生物。

【請求項5】 微生物がアセトバクター属、又はグルコンアセトバクター属 の酢酸菌であることを特徴とする請求項4に記載の微生物。

【請求項6】 請求項4、又は請求項5に記載の微生物のうち、アルコール酸化能を有するものを、アルコールを含有する培地で培養して該培地中に酢酸を

生成蓄積せしめることを特徴とする食酢の製造方法。

【請求項7】 請求項2、又は請求項3に記載のDNAを含んだ組換えプラスミドpUSPT (FERM BP-7932)。

【発明の詳細な説明】

[0001]

【発明の属する技術分野】

本発明は、微生物に由来する酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質をコードする遺伝子、これのコピー数を増幅した微生物、特にアセトバクター属(Ac etobacter)及びグルコンアセトバクター属(Gluconacetobacter)に属する酢酸菌、及びこれらの微生物を用いて高濃度の酢酸を含有する食酢を効率良く製造する方法に関する。

[0002]

【従来の技術】

酢酸菌は食酢製造に広く利用されている微生物であり、特にアセトバクター属 及びグルコンアセトバクター属に属する酢酸菌が工業的な酢酸発酵に利用されて いる。

酢酸発酵では、培地中のエタノールが酢酸菌によって酸化されて酢酸に変換され、その結果、酢酸が培地中に蓄積することになるが、酢酸は酢酸菌にとっても阻害的であり、酢酸の蓄積量が増大して培地中の酢酸濃度が高くなるにつれて酢酸菌の増殖能力や発酵能力は次第に低下する。

[0003]

そのため、酢酸発酵においては、より高い酢酸濃度でも増殖能力や発酵能力が低下しないこと、すなわち酢酸耐性の強い酢酸菌を開発することが求められており、その一手段として、酢酸耐性に関与する遺伝子(酢酸耐性遺伝子)をクローニングし、その酢酸耐性遺伝子を用いて酢酸菌を育種、改良することが試みられている。

[0004]

これまでの酢酸菌の酢酸耐性遺伝子に関する知見としては、アセトバクター属の酢酸菌の酢酸耐性を変異させて酢酸感受性にした株を元の耐性に回復させるこ

とのできる相補遺伝子として、クラスターを形成する3つの遺伝子(aarA、aarB、aarC)がクローニングされていた(ジャーナル・オブ・バクテリオロジー(J. Bacteriol.)、172巻、2096頁、1990年)。

[0005]

この内、aarA遺伝子はクエン酸合成酵素をコードする遺伝子であり、又、aarC遺伝子は酢酸の資化に関係する酵素をコードする遺伝子であると推定されたが、aarB遺伝子については機能が不明であった(ジャーナル・オブ・ファーメンテイション・アンド・バイオエンジニアリング(J. Ferment. Bioeng.)、76巻、270頁、1993年)。

[0006]

これらの3つの酢酸耐性遺伝子を含む遺伝子断片をマルチコピープラスミドにクローニングし、アセトバクター・アセチ・サブスペシーズ・ザイリナムIFO3288 (Acetobacter aceti subsp. xylinum IF03288) 株に形質転換して得られた形質転換株は、酢酸耐性の向上レベルが僅かでしかなく、また実際の酢酸発酵での能力の向上の有無については不明であった(特開平3-219878号公報)。

[0007]

一方、酢酸菌からクローニングされた膜結合型アルデヒド脱水素酵素(ADH)をコードする遺伝子を酢酸菌に導入することによって、酢酸発酵において最終到達酢酸濃度の向上が認められた例が特開平2-2364号公報に開示されている。しかし、ADHはエタノールを酸化する機能を有する酵素であって酢酸耐性に直接関係する酵素ではないことから、ADHをコードする遺伝子が真に酢酸耐性遺伝子であるとは断定できないものであった。

[0008]

【発明が解決しようとする課題】

以上のように、従来より酢酸菌の酢酸耐性を遺伝子レベルで解明し、高い酢酸耐性を有する実用酢酸菌の開発に成功した例は報告されていない。しかし、酢酸耐性にすぐれた酢酸菌が開発されれば、従来より高濃度の酢酸発酵が行われ、高濃度酢酸、高濃度食酢の効率的製造が可能となることから、本発明者らは、再度

、酢酸菌の酢酸耐性の向上を遺伝子レベルで解明することとした。

[0009]

そして本発明者らは、各方面から検討した結果、酢酸耐性を実用レベルで向上させうる機能を有するタンパク質をコードする新規な酢酸耐性遺伝子を取得し、また取得した酢酸耐性遺伝子を用いて、より強い酢酸耐性を有する酢酸菌を育種することが重要であるとの観点にたち、酢酸菌に属する微生物由来の酢酸耐性に関与する新規な遺伝子を提供すること、及び該遺伝子を用いて微生物の酢酸耐性を向上させる方法、特に酢酸菌に属する微生物の酢酸耐性を向上させる方法、さらに酢酸耐性が向上した酢酸菌を用いて、より高酢酸濃度の食酢を効率良く製造する方法を提供することを新規技術課題として新たに設定した。

[0010]

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、酢酸存在下でも増殖し、発酵することができる酢酸菌には、他の微生物には存在しない特異的な酢酸耐性に関与する遺伝子が存在するとの仮説を立て、こうした遺伝子を用いれば、従来以上に微生物の酢酸耐性を向上させることができ、さらには高濃度の酢酸を含有する従来得ることができなかった新規食酢の効率的な製造法を開発することが可能になるとの新規着想を得た。

[0011]

従来の酢酸耐性遺伝子の取得方法は、酢酸菌の酢酸感受性の変異株を相補する 遺伝子をクローニングする方法などが一般的であった。

[0012]

しかし、このような方法では産業上有用な酢酸耐性遺伝子を見出すことは困難であると考え、鋭意検討した結果、本発明者らは、酢酸菌から酢酸耐性遺伝子を見出す方法として、酢酸菌の染色体DNAライブラリーを構築し、この染色体DNAライブラリーを酢酸菌に形質転換し、通常1%程度の酢酸の存在下でしか生育できない株を、2%の酢酸の存在下でも生育可能にする遺伝子をスクリーニングすることによって取得する方法を開発した。

この方法によって、実際に食酢製造に用いられているグルコンアセトバクター 属の酢酸菌から、酢酸耐性を実用レベルで向上させる機能を有する新規な酢酸耐 性遺伝子をクローニングすることにはじめて成功した。

[0013]

得られた酢酸耐性遺伝子は、DDBJ/EMBL/Genbank及びSWISS-PROT/PIRにおいてホモロジー検索した結果、スフィンゴモナスなどで見出されているスフィンゴ脂質合成の第一段階を触媒するセリンパルミトイルトランスフェラーゼ (serine palmitoyltransferase) と称されるタンパク質と相同性を示しており、酢酸菌のセリンパルミトイルトランスフェラーゼをコードする遺伝子であると推定された。

[0014]

しかし、これまでに原核生物からセリンパルミトイルトランスフェラーゼの遺 伝子が取得されたのは前記のスフィンゴモナス属の例のみである。

さらに、取得された酢酸菌のセリンパルミトイルトランスフェラーゼ遺伝子は、スフィンゴモナス属で見出されている既知のセリンパルミトイルトランスフェラーゼ遺伝子とはアミノ酸配列レベルで46.3%の、またマウスのそれとは25%前後の相同性であり、その相同性の程度は極めて低いものであったことから、他のセリンパルミトイルトランスフェラーゼ遺伝子とある程度は似ているものの、酢酸菌に特異的な新規タンパク質(タンパク質SPTということもある)をコードする新規遺伝子であることが確認された。

[0015]

また、該遺伝子をプラスミドベクターに連結して酢酸菌に形質転換し、コピー数を増幅させた形質転換株においては、顕著に酢酸耐性が向上し、その結果、エタノール存在下で該形質転換株を通気培養した場合に、増殖誘導期が短縮する上に、増殖速度、生酸速度が向上すると共に、さらに最終到達酢酸濃度が顕著に向上することなどを見出し、更に該タンパク質のアミノ酸配列、及びそれをコードする遺伝子DNAの塩基配列の決定にも成功し、本発明を完成するに至った。

[0016]

すなわち本発明の実施態様は下記のとおりである。

- (1) 下記の(A)、又は(B) に示すタンパク質SPT。
 - (A) 配列表の配列番号2に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。

(B) 配列表の配列番号2に記載のアミノ酸配列において、1若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質。

[0017]

- (2) 下記の(A)、又は(B) に示すタンパク質 S P T をコードする遺伝子の D N A。
 - (A) 配列表の配列番号2に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質。
- (B) 配列表の配列番号 2 に記載のアミノ酸配列において、1 若しくは数個のアミノ酸の置換、欠失、挿入、付加、又は逆位を含むアミノ酸配列からなり、かつ、酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質。

[0018]

- (3)下記の(a)、又は(b)に示すDNAである上記(2)に記載の遺伝子のDNA。
- (a) 配列表の配列番号1に記載の塩基配列のうち、塩基番号187~138 6からなる塩基配列を含むDNA。
- (b) 配列表の配列番号1に記載の塩基配列のうち、塩基番号187~1386からなる塩基配列又はその一部を有するプローブと、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ、酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質をコードするDNA。

[0019]

- (4)上記(2)、又は(3)に記載のDNAの細胞内のコピー数が増幅された ことにより、酢酸耐性が増強された微生物。
- (5) 微生物がアセトバクター属、又はグルコンアセトバクター属の酢酸菌であることを特徴とする上記(4)に記載の微生物。

[0020]

(6)上記(4)、又は(5)に記載の微生物のうち、アルコール酸化能を有するものを、アルコールを含有する培地で培養して該培地中に酢酸を生成蓄積せしめることを特徴とする食酢の製造方法、及び、それによって得られた酢酸含量が高い(10~12.5%)新規な食酢。

[0021]

(7) 上記(2)、又は(3) に記載のDNAを含んだ組換えプラスミドpUS PT(FERM BP-7932)。

[0022]

(8) 少なくとも配列表の配列番号 1 に示す塩基配列を有する DNA 断片を含んでなる組換えプラスミドであって、例えば、酢酸菌 - 大腸菌シャトルベクター(マルチコピーベクター) pMV24 にこの DNA 断片を挿入してなるプラスミド pSPT、及び/又は、このプラスミド pSPTをアセトバクター・アセチ(Ac etobacter aceti) No. 1023 (FERM BP-2287) に導入してなる形質転換体。

[0023]

本発明によれば、微生物に対して、酢酸に対する耐性を付与し、増強することができる。そして、アルコール酸化能を有する微生物、特に酢酸菌においては、酢酸に対する耐性が顕著に向上し、培地中に高濃度の酢酸を効率良く蓄積する能力を付与することができる。

[0024]

【発明の実施の形態】

以下、本発明を詳細に説明する。

[0025]

(1) 本発明のDNA

本発明のDNAは、スフィンゴモナス属のセリンパルミトイルトランスフェラーゼとある程度の相同性を有し、且つ酢酸耐性を向上させる機能を有する配列表の配列番号2に示すアミノ酸配列を有するタンパク質をコードし得る塩基配列を包含し、該塩基配列の調整要素、及び該遺伝子の構造部分を含む。

[0026]

本発明のDNAは、グルコンアセトバクター・エンタニイ (Gluconacetobacte r entanii) の染色体DNAから次のようにして取得することができる。

まず、グルコンアセトバクター・エンタニイ、例えばアセトバクター・アルトアセチゲネスMH-24 (Acetobacter altoacetigenes MH-24) 株 (特許生物寄

託センターにFERM BP-491として寄託)の染色体DNAライブラリーを調製する。なお、染色体DNAは特開昭60-9489号公報に開示された方法により取得する。

[0027]

次に、得られた染色体DNAから酢酸耐性遺伝子を単離するために、染色体DNAライブラリーを作製する。まず、染色体DNAを適当な制限酵素で部分分解して種々のDNA断片混合物を得る。切断反応時間などを調節して切断の程度を調節すれば、幅広い種類の制限酵素が使用できる。例えば、Sau3AIを温度30 C以上、好ましくは37 C、酵素濃度 $1\sim10$ ユニット/m1 で様々な時間(1 分~2 時間)、染色体DNAに作用させてこれを消化する。なお、後記実施例ではPstI を用いた。

[0028]

次いで、切断された染色体 DNA 断片を、酢酸菌内で自律複製可能なベクター DNA に連結し、組換え DNA を作製する。具体的には、染色体 DNA の切断に 用いた制限酵素 Pst I と相補的な末端塩基配列を生じさせる制限酵素、例えば Pst I を温度 30%、酵素濃度 $1\sim100$ ユニット/ m 1 の条件下で、 1 時間 以上ベクター DNA に作用させてこれを完全消化し、切断開裂する。

[0029]

次いで、上記のようにして得た染色体DNA断片混合物と切断開裂されたベクターDNAを混合し、これにT4DNAリガーゼを温度 $4\sim16$ \mathbb{C} 、酵素濃度 $1\sim100$ 100

[0030]

得られた組換えDNAを用いて、通常は寒天培地上で1%よりも高濃度の酢酸の存在下では増殖することのできない酢酸菌、例えばアセトバクター・アセチ1023株 (Acetobacter aceti No.1023)株 (特許生物寄託センターにFERMBP-2287として寄託)を形質転換し、その後2%酢酸含有寒天培地に塗布し、培養する。そこで生じたコロニーを液体培地に接種して培養し、得られる菌体からプラスミドを回収することで酢酸耐性遺伝子を含むDNA断片を得るこ

とができる。

[0031]

本発明のDNAとして、具体的には、配列表の配列番号1の塩基配列を有する DNAが挙げられるが、その内、塩基番号 $187\sim1386$ からなる塩基配列は コーディング領域である。

[0032]

配列番号1に示す塩基配列もしくは配列番号2に示すアミノ酸配列(図3:塩基番号187~1386に対応)は、DDBJ/EMBL/Genbank及びSWISS-PROT/PIRにおいてホモロジー検索したところ、アミノ酸配列レベルでスフィンゴモナス・ポーチモビリス(Sphingomonas paucimobilis)のSPT1遺伝子と46.3%、マウスのLCB1遺伝子、LCB2遺伝子とも26.3%、24.8%の相同性を示し、セリンパルミトイルトランスフェラーゼをコードする遺伝子であることが推定されたが、いずれも50%以下の低い相同性であり、これらの遺伝子とは異なる新規なものであることが明白であった。なお、上記のSPT遺伝子などが、酢酸耐性と関係していることは全く知られていない。

さらに、本発明のDNAは、すでに取得されている酢酸菌の酢酸耐性遺伝子(aarA、aarB、aarC)や酢酸耐性を増強する機能を有するADH遺伝子などとも異なる新規な酢酸耐性を増強する機能を有する遺伝子であると同定された。

[0033]

本発明のDNAは、その塩基配列が明らかとなったので、例えば、鋳型として酢酸菌グルコンアセトバクター・エンタニイのゲノムDNAを用い、該塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドをプライマーに用いるポリメラーゼ・チェーン・リアクション(PCR反応)(トレンズ・オブ・ジェネテェックス(Trends Genet.)5巻、185頁、1989年)によって、または該塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドをプローブとして用いるハイブリダイゼーションによっても得ることができる。

[0034]

オリゴヌクレオチドの合成は、例えば、市販されている種々のDNA合成機を用いて定法に従って合成できる。また、PCR反応は、アプライドバイオシステムズ社 (Applied Biosystems) 製のサーマルサイクラーGene Amp PCR System 24 00を用い、TaqDNAポリメラーゼ (宝酒造社製) やKOD-Plus-(東洋紡績社製) などを使用して、定法に従って行なうことができる。

[0035]

本発明の酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質をコードするDNAは、コードされるタンパク質の酢酸耐性を増強する機能が損なわれない限り、1又は複数の位置で1又は数個のアミノ酸が欠失、置換、挿入、又は付加されたタンパク質をコードするものであっても良い。

[0036]

このような酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質と実質的に同一のタンパク質をコードするDNAは、例えば部位特異的変異法によって、特定の部位のアミノ酸が欠失、置換、挿入、又は付加されるように塩基配列を改変することによっても取得され得る。また、上記のような改変されたDNAは、従来知られている突然変異処理によっても取得することができる。

[0037]

また、一般的にタンパク質のアミノ酸配列およびそれをコードする塩基配列は、種間、株間、変異体、変種間でわずかに異なることが知られているので、実質的に同一のタンパク質をコードするDNAは、酢酸菌全般、中でもアセトバクター属やグルコンアセトバクター属の種、株、変異体、変種から得ることが可能である。

[0038]

具体的には、アセトバクター属やグルコンアセトバクター属の酢酸菌、又は変異処理したアセトバクター属やグルコンアセトバクター属の酢酸菌、これらの自然変異株若しくは変種から、例えば配列表の配列番号1に記載の塩基配列のうち、塩基配列番号187~1386からなる塩基配列を有するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、酢酸耐性を増強する機能を有するタンパク質をコードするDNAを単離することによっても、該タンパク質と実質的に同一

のタンパク質をコードするDNAが得られる。ここでいうストリンジェントな条件とは、いわゆる特異的なハイブリッドが形成され、非特異的なハイブリッドが形成されない条件をいう。この条件を明確に数値化することは困難であるが、一例を示せば、相同性が高いDNAどうし、例えば70%以上の相同性を有するDNAどうしがハイブリダイズし、それより相同性が低いDNAどうしがハイブリダイズしない条件、あるいは通常のハイブリダイゼーションの洗浄条件、例えば1×SSCで0.1%SDSに相当する塩濃度で60℃で洗浄が行われる条件などが挙げられる。

[0039]

(2) 本発明の酢酸菌

本発明の酢酸菌はアセトバクター属及びグルコンアセトバクター属の細菌を指し、酢酸耐性が増強されたアセトバクター属細菌及びグルコンアセトバクター属 細菌である。

[0040]

アセトバクター属細菌として具体的には、アセトバクター・アセチ (Acetobac ter aceti) が挙げられ、アセトバクター・アセチNo. 1023 (Acetobacter aceti No.1023) 株 (特許生物寄託センターにFERM BP-2287として寄託) が例示される。

また、グルコンアセトバクター属細菌としては、グルコンアセトバクター・エンタニイ (Gluconacetobacter entanii) が挙げられ、現在特許生物寄託センターにFERM BP-491として寄託されているアセトバクター・アルトアセチゲネスMH-24 (Acetobacter altoacetigenes MH-24) 株が例示される。

[0041]

酢酸耐性の増強は、例えば酢酸耐性遺伝子の細胞内のコピー数を増幅すること、又は、該遺伝子の構造遺伝子を含むDNA断片をアセトバクター属細菌中で効率よく機能するプロモーター配列に連結して得られる組換えDNAを用いて、アセトバクター属細菌を形質転換することによって増強することができる。

また、染色体 DNA上の該遺伝子のプロモーター配列を、アセトバクター属や グルコンアセトバクター属の細菌中で効率よく機能する他のプロモーター配列、 例えば大腸菌のプラスミド p B R 3 2 2 のアンピシリン耐性遺伝子、プラスミド p A C Y C 1 7 7 のカナマイシン耐性遺伝子、プラスミド p A C Y C 1 8 4 のクロラムフェニコール耐性遺伝子、βーガラクトシダーゼ遺伝子などの各遺伝子のプロモーターなどの酢酸菌以外の微生物由来のプロモーター配列に置き換えることによっても、酢酸耐性を増強することができる。

[0042]

該遺伝子の細胞内コピー数の増幅は、該遺伝子を保持するマルチコピーベクターをアセトバクター属細菌の細胞に導入することによって行なうことができる。 すなわち、該遺伝子を保持するプラスミド、トランスポゾン等をアセトバクター属やグルコンアセトバクター属の細菌の細胞に導入することによって行なうことができる。

[0043]

マルチコピーベクターとしては、pMV24 (アプライド・オブ・エンバイロメト・アンド・マイクロバイオロジー (Appl. Environ. Microbiol.) 55巻、171頁、1989年)やpTA5001 (A)、pTA5001 (B) (特開昭60-9488号公報)などが挙げられ、染色体組み込み型ベクターであるpMVL1 (アグリカルチュラル・アンド・バイオロジカル・ケミストリー (Agric. Biol. Chem.) 52巻、3125頁、1988年)も挙げられる。また、トランスポゾンとしては、MuやIS1452などが挙げられる。

[0044]

アセトバクター属やグルコンアセトバクター属の酢酸菌へのDNAの導入は、塩化カルシウム法(アグリカルチュラル・アンド・バイオロジカル・ケミストリー (Agric. Biol. Chem.) 49巻、p.2091、1985年)やエレクトロポレーション法(バイオサイエンス・バイオテクノロジィー・アンド・バイオケミストリー (Biosci. Biotech. Biochem.)、58巻、974頁、1994年)等によって行なうことができる。

[0045]

アルコール酸化能を有するアセトバクター属やグルコンアセトバクター属の酢 酸菌において、上記のようにしてその酢酸耐性を増強すると、酢酸の生産量や生 産効率を増大させることができる。

[0046]

(3)食酢製造法

上記のようにして、酢酸耐性遺伝子のコピー数が増幅されたことにより酢酸耐性が選択的に増強されたアセトバクター属やグルコンアセトバクター属の細菌であって、アルコール酸化能を有するものをアルコール含有培地で培養し、該培地中に酢酸を生産蓄積せしめることにより、食酢を効率よく製造することができる

[0047]

本発明の製造法における酢酸発酵は、従来の酢酸菌の発酵法による食酢の製造 法と同様にして行なえば良い。酢酸発酵に使用する培地としては、炭素源、窒素 源、無機物、エタノールを含有し、必要があれば使用菌株が生育に要求する栄養 源を適当量含有するものであれば、合成培地でも天然培地でも良い。

炭素源としては、グルコースやシュークロースをはじめとする各種炭水化物、 各種有機酸が挙げられる。窒素源としては、ペプトン、発酵菌体分解物などの天 然窒素源を用いることができる。

[0048]

また、培養は、静置培養法、振とう培養法、通気攪拌培養法等の好気的条件下で行ない、培養温度は通常30℃で行なう。培地のpHは通常2.5~7の範囲であり、2.7~6.5の範囲が好ましく、各種酸、各種塩基、緩衝液等によって調製することもできる。通常1~21日間の培養によって、培地中に高濃度の酢酸が蓄積する。

[0049]

(4) 本発明の実施態様

また、本発明に係るORF又はそれを含有する酢酸耐性遺伝子(配列番号1)を大腸菌ベクター(マルチコピーベクター)pUC19に挿入してなる組換えプラスミドpUSPTは、特許生物寄託センターにFERM BP-7932として寄託されているので、本発明に係る遺伝子のDNAは容易に入手することができ、当業者であれば本発明の実施は容易である。そして、所望するのであれば、

この組換えプラスミドを用いて、本発明に係るORF又はそれを含有する酢酸耐性遺伝子を、酢酸菌で自律複製可能なベクターにのせかえ、これを酢酸菌に導入し、これを培養することにより酢酸含量の高い食酢を容易に製造することができる。

[0050]

更にまた、上記したようにそしてまた後記する実施例からも明らかなように、 酢酸耐性遺伝子源の寄託、PCRの態様、プラスミドベクター、組換えプラスミ ドの作製、宿主菌の寄託その他が明らかにされており、いずれも入手ないし操作 、処理が容易であるので、実施例にしたがって各操作、処理を行えば、目的とす る酢酸耐性形質転換体を得ることができ、これを使用することにより高濃度の酢 酸を製造することができる。したがって、この点からしても、本発明の実施は容 易である。

[0051]

以下に、本発明を実施例により具体的に説明する。

[0052]

【実施例】

(実施例1) グルコンアセトバクター・エンタニイからの酢酸耐性遺伝子のクロ ーニングと塩基配列及びアミノ酸配列の決定

[0053]

(1) 染色体DNAライブラリーの作製

グルコンアセトバクター・エンタニイ (Gluconacetobacter entanii) の 1 株であるアセトバクター・アルトアセトゲネスMH-24 (Acetobacter altoacet igenes MH-24) 株 (FERM BP-491) を 6%酢酸、 4%エタノールを添加した YPG培地(3%グルコース、0.5%酵母エキス、0.2%ポリペプトン) で 30 $\mathbb C$ にて振盪培養を行なった。培養後、培養液を遠心分離(7,500×g、10分)し、菌体を得た。得られた菌体より、特開昭 60-9489号公報に開示された方法により、染色体DNAを調製した。

[0054]

上記のようにして得られた染色体DNAを制限酵素PstI(宝酒造社製)で

部分消化し、また大腸菌一酢酸菌シャトルベクターpMV24を制限酵素PstIで完全消化して、切断した。これらのDNAを適量ずつ混合し、ライゲーションキット (TaKaRa DNA Ligation Kit Ver.2、宝酒造社製)を用いて連結してグルコンアセトバクター・エンタニイの染色体DNAライブラリーを構築した。

[0055]

(2) 酢酸耐性遺伝子のクローニング

上記のようにして得られたグルコンアセトバクター・エンタニイの染色体DNAライブラリーを、通常は寒天培地上で酢酸濃度1%程度までしか増殖出来ないアセトバクター・アセチNo. 1023株 (FERM BP-2287) に形質転換した。

その後、形質転換されたアセトバクター・アセチNo. 1023株を、2%酢酸、 100μ g/m1のアンピシリンを含むYPG寒天培地で、30Cで4日間培養した。

[0056]

そこで生じたコロニーを 100μ g/m1のアンピシリンを含むYPG培地に接種して培養し、得られた菌体からプラスミドを回収したところ、図1に示した約4kbpのPs t I 断片がクローン化されたプラスミドが回収でき、このプラスミドをpP1と命名した。さらに2%酢酸を含有するYPG寒天培地でアセトバクター・アセチNo. 1023株を生育可能にするDNA断片は、pP1にクローン化された約4kbpのPs t I 断片中の約2kbpのEcoRV-Ba1I 断片であることが確認できた。

[0057]

このようにして通常は寒天培地上で酢酸濃度1%程度までしか増殖出来ないアセトバクター・アセチNo. 1023株を2%酢酸含有寒天培地でも増殖可能にする酢酸耐性遺伝子断片を取得した。

[0058]

(3) クローン化されたDNA断片の塩基配列の決定

上記のクローン化されたEcoRV-BalI断片をpUC19のSmaI切断部位に挿入し、該断片の塩基配列を、サンガーのダイデオキシ・チェーン・タ

ーミネーション法によって決定した結果、配列番号1に記載した塩基配列が決定された。配列決定は両方のDNA鎖の全領域について行ない、切断点は全てオーバーラップする様にして行なった。

[0059]

配列番号1記載の塩基配列中には、塩基番号187から塩基番号1386にかけて、配列番号2に記載したような400個のアミノ酸(図3)をコードするオープンリーディング・フレーム(ORF)の存在が確認された。

[0060]

(実施例2)グルコンアセトバクター・エンタニイ由来の酢酸耐性遺伝子で形質 転換した形質転換株での酢酸耐性の増強

[0061]

(1) アセトバクター・アセチへの形質転換

上記の様にしてクローン化されたアセトバクター・アルトアセトゲネスMH-24 (Acetobacter altoacetigenes MH-24) 株 (FERM BP-491) 由来の酢酸耐性遺伝子を、KOD-Plus-(東洋紡績社製)を用いてPCR法によって増幅し、増幅したDNA断片を酢酸菌一大腸菌シャトルベクターpMV24 (アプライド・オブ・エンバイロメント・アンド・マイクロバイオロジー(Appl. Environ. Microbiol.) 55巻、171頁、1989年)の制限酵素SmaI切断部位に挿入したプラスミドpSPTを作製した。pSPTに挿入された増幅断片の概略を図1に示した。

[0062]

PCR法は次のようにして実施した。すなわち、鋳型として上記酢酸菌由来のゲノムDNAを用い、プライマーとしてプライマー1 (その塩基配列を配列番号3 (図4)に示す)及びプライマー2 (その塩基配列を配列番号4 (図5)に示す)を用い、下記する条件にて、PCR法を実施した。

すなわち、PCR法は94 $^\circ$ 15秒、60 $^\circ$ 30秒、68 $^\circ$ 2分を1サイクルとして、30サイクル行った。

[0063]

このpSPTをアセトバクター・アセチNo. 1023株にエレクトロポレー

ション法(バイオサイエンス・バイオテクノロジイー・アンド・バイオケミストリー (Biosci. Biotech. Biochem.)、5.8巻、9.74 頁、1.9.94年)によって形質転換した。形質転換株は1.0.0 μ g/m1のアンピシリン及び2.%の酢酸を添加したYPG寒天培地で選択した。

[0064]

選択培地上で生育したアンピシリン耐性の形質転換株について、定法によりプラスミドを抽出して解析し、酢酸耐性遺伝子を保有するプラスミドを保持していることを確認した。

[0065]

(2) 形質転換株の酢酸耐性

上記のようにして得られたプラスミド p S P T を有するアンピシリン耐性の形質転換株について、酢酸を添加した Y P G 培地での生育を、シャトルベクター p M V 2 4 のみを導入した元株アセトバクター・アセチ N o. 1 0 2 3 株と比較した。

[0066]

具体的には、エタノール3%とアンピシリン100μg/m1を含有する100m1のYPG培地と、エタノール3%、酢酸3%とアンピシリン100μg/m1を含有する100m1のYPG培地のそれぞれに、pSPTを有する形質転換株とシャトルベクターpMV24を有する元株を接種し、30℃で振とう培養(150rpm)を行ない、形質転換株と元株の酢酸添加培地での生育を660nmにおける吸光度を測定することで比較した。

[0067]

その結果、図2に示すように、酢酸を含有しない培地では形質転換株及び元株はほぼ同様の増殖が可能であったのに対し、3%酢酸と3%エタノールを添加した培地では、形質転換株は増殖が可能であるのに対して、元株アセトバクター・アセチNo. 1023株は増殖できないことが確認でき、酢酸耐性遺伝子の酢酸耐性増強機能が確認できた。

[0068]

(実施例3) グルコンアセトバクター・エンタニイ由来の酢酸耐性遺伝子で形質

転換した形質転換株の酢酸発酵試験

[0069]

実施例2で得られたプラスミドpSPTを有するアンピシリン耐性の形質転換株について、シャトルベクターpMV24のみを有する元株アセトバクター・アセチNo. 1023株と酢酸発酵能を比較した。

[0070]

具体的には、5 Lのミニジャー(三ツワ理化学工業社製; KMJ−5A)を用いて、酢酸1%、エタノール4%、アンピシリン100μg/m1を含む2.5 LのYPG培地にて、30℃、400грm、0.20 v v mの通気攪拌培養を行ない、酢酸濃度3%まで発酵させた。その後、700m1の培養液をミニジャー中に残して培養液を取り出し、残った700mLに対して酢酸3%、エタノール4%、アンピシリン100μg/m1を含む1.8 LのYPG培地を添加して再び酢酸発酵を開始させ、途中培地中のエタノール濃度が1%を維持するようにエタノールを添加しつつ通気攪拌培養を継続して、形質転換株と元株の酢酸発酵能を比較した。その結果を表1にまとめた。

[0071]

【表1】

	最終到達酢	比增殖速度	生産速度	増殖誘導期		
	酸濃度(%)	(OD660/hr)	(%/hr)	(h r)_		
元株	9. 5	0.0151	0.103	62.5		
形質転換株	11. 1	0.0323	0.136	24.0		

[0072]

表1の結果から、形質転換株の方が、最終到達酢酸濃度、比増殖速度、生酸速 度、増殖誘導期の何れにおいても、顕著に優れていることが確認できた。

[0073]

【発明の効果】

本発明により、酢酸耐性に関与する新規な遺伝子が提供され、さらに該遺伝子 を用いてより高酢酸濃度の食酢を高効率で製造可能な育種株を取得することがで き、更に、該育種株を用いたより高酢酸濃度の食酢を高効率で製造する方法の提

供が可能となった。

[0074]

【配列表】

SEQUENCE LISTING

Mitsukan Group Corporation <110> Structural gene responsible for acetic acid resistance in ace <120> tic acid bacteria, acetic acid bacteria transformed with said gene, and acetic acid fermentation using said transformants. <130> 6561 <141> 2002-3-15 <160> 4 <210> 1 <211> 2016 <212> DNA Gluconacetobacter entanii <213> <400> 1 gatatcaatg gcagcagcaa gatcgttgag gatctggcct ttgattcact ggccgtcatg 60 aattttgtca tggaaatcga ggacacgctc gacgtttccg tgccgcttga ccggctggct 120 gatatccgca ccattgatga tctggctgcc tgtatcgtct ctctcaagca ggcatcctga 180 tacaccatgt cgattttctc gaaatatgaa ggccttgcgt ccgccctgtc ggcggtaacg 240 gccgatggtg ggcgcaaccc gttcaacgtc gtgatcgaaa agcccatttc ctccacggtc 300 gggctgatcg aagggcgcga gacgcttctg ttcggcacca acaactatct tgggctgagc 360 cagtccccgg ccgcgatcga agcggcggtg gaagccgcca gggcttatgg tgtcggcacg 420 accggatcgc gcatcgccaa tggcacgcag ggtctgcacc gccagttgga agagcggctg 480 tgcaccttct tccgtcgtcg gcactgcatg gtgttttcca ccggttacca ggccaatctg 540 ggcacgattt ccgcactggc gggcaaggac gattatctgc tgcttgatgc ggacagccat 600 gccagcatct atgatggcag ccgccttggc catgcgcagg tcatccgctt ccgtcacaac 660 gacgccgatg acctgcataa acgcctgcgc cgccttgatg gtacgcccgg agcgaaactg 720

780

gtcgtggtcg aaggcatcta ttccatgatg ggcgacgtcg ttcccatggc ggaattcgcg.

特2002-072931

•						
gccgtcaagc g	gggaaaccgg	tgcatggctg	ctggcggatg	aagcacattc	cgttggtgta	840
atgggcgaac a	atggccgtgg	cgtggcggaa	tccgacggcg	tggaagatga	tgtcgatttt	900
gtcgtcggca	ccttttccaa	aagccttggc	acggttggtg	gctactgtgt	ttccaaccat	960
gccgggctgg	acctgatccg	gctgtgttcg	cgtccgtaca	tgttcaccgc	atccctgccg	1020
ccggaagtca	tcgccgcgac	catggccgcg	ctgactgaac	tggaaaaaccg	gccggaactg	1080
cgcgtgcggt	tgatggacaa	tgcacgcagg	cttcatgacg	ggctgcaggc	ggccggcctg	1140
cgcaccggcc	cgcaggccag	tcctgtcgtg	tccgtcattc	tggatgatgt	ggcggttgcc	1200
gtggcgttct	ggaaccggct	gctggacctt	ggggtttacg	tcaacctcag	cctgccgcct	1260
gcaacgcccg	accagcatcc	cctgctgcgg	acctccgtca	tggcgaccca	tacgccggag	1320
cagatagacc	gggccgtgga	aatcttcgcc	gttgtagcgg	gcgagatggg	tatcaaccgc	1380
gccgcctgaa	aaaacctgcc	tgccgtaatt	tccacagcag	atacggcagg	cagaccagcg	1440
gatgccgttc	cgaaaacggc	cccagcggca	gttcaatgcc	ggaatgccgc	ctgatcttcc	1500
atgcgatata	gcgcgcgcca	ccttcaaacg	tgaaggcccc	cttgaacagg	cggctgacat	1560
tcagcacgcg	ccccagccga	ccacgcagcc	accagcctto	gtacatcttc	cggcgcagtt	1620
caggtgtcag	ctggggggtt	agttgatcgc	cctcagaccg	gaacggcagg	ccatcggcgc	1680
gccatacatc	cggcagcagg	cgcctgtacc	gtgcttcctg	ccctgtago	aggctacgcg	1740
gcctgcggcc	gttctccaca	cgcagttccg	caccgtaagt	atgggcgaac	agggccagcc	1800
agtagtcatc	ggccgtgccc	tgtgccggac	ccagggcgg	agcccagcgo	cccgcctgcc	1860
ccaccgcgcg	gataatgcag	gccaggatgg	categgeeg	gtccggttcc	ctgacccata	1920
					gcgcgtcccg	1980
		atggacagga				2016

<210> 2

⟨211⟩ 400

<212> PRT

⟨213⟩ Gluconacetobacter entanii

<400> 2

Met Ser Ile Phe Ser Lys Tyr Glu Gly Leu Ala Ser Ala Leu Ser Ala

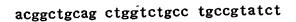
5 10 15

Val Thr Ala Asp Gly Gly Arg Asn Pro Phe Asn Val Val Ile Glu Lys

			20					25					30		
Pro	Ile	Ser	Ser	Thr	Val	Gly	Leu	Ile	Glu	Gly	Arg	Glu	Thr	Leu :	Leu
		35				•	40					45			
Phe	Gly	Thr	Asn	Asn	Tyr	Leu	Gly	Leu	Ser	Gln	Ser	Pro	Ala	Ala	Ile
	50					55					60				
Glu	Ala	Ala	Val	Glu	Ala	Ala	Arg	Ala	Tyr	Gly	Val	Gly	Thr	Thr	Gly
65					70					75					80
Ser	Arg	Ile	Ala	Asn	Gly	Thr	Gln	Gly	Leu	His	Arg	Gln	Leu	Glu	Glu
				85					90					95	
Arg	Leu	Cys	Thr	Phe	Phe	Arg	Arg	Arg	His	Cys	Met	Val	Phe	Ser	Thr
			100					105					110		
Gly	Tyr	Gln	Ala	Asn	Leu	Gly	Thr	Ile	Ser	Ala	Leu	Ala	Gly	Lys	Asp
		115					120					125			
Asp	Tyr	Leu	Leu	Leu	Asp	Ala	Asp	Ser	His	Ala	Ser	I l e	Tyr	Asp	Gly
	130					135					140				
Ser	Arg	Leu	G1y	His	Ala	Gln	Va1	Ile	Arg	Phe	Arg	His	Asn	Asp	Ala
145					150					155					160
Asp	Asp	Leu	His	Lys	Arg	Leu	ι Arg	Arg	Leu	Asp	G1y	Thr	Pro	Gly	Ala
				165	;				170)				175	
Lys	Let	ı Val	Val	Val	Glu	ı Gly	, I1e	Tyr	Ser	Met	Met	G1 y	Asp	Val	Val
			180)				185	•				190		
Pro	Met	t Ala	ı Glı	ı Phe	e Ala	a Ala	a Val	Lys	Arg	g Glu	Thr	Gly	Ala	Trp	Leu
		198	5				200)				205	5		
Let	ı Ala	a Asj	e Glu	u Ala	a His	s Se	r Va	l Gly	y Val	l Met	: G13	Glu	ı His	G13	/ Arg
	21	0				21	5				220)			
Gl	y Va	1 A1:	a Gl	u Se	r As	p Gl	y Va	l Glu	ı Ası	p Ası	Val	Ası	Phe	e Val	l Val
22	5				23	0				235	5				240
G1;	y Th	r Ph	e Se	r Ly	s Se	r Le	u Gl	y Th	r Va	1 G1;	y G1:	у Туі	r Cys	s Va	l Ser
				24	5				25	0				25	5

7							•		•								
	Asn	His	Ala	Gly	Leu	Asp	Leu	Ile	Arg	Leu	Cys	Ser	Arg	Pro	Tyr	Met	
				260					265					270			
	Phe	Thr	Ala	Ser	Leu	Pro	Pro	Glu	Val	Ile	Ala	Ala	Thr	Met	Ala	Ala	
			275					280					285				
	Leu	Thr	Glu	Leu	Glu	Asn	Arg	Pro	Glu	Leu	Arg	Val	Arg	Leu	Met	Asp	
		290					295					300					
	Asn	Ala	Arg	Arg	Leu	His	Asp	Gly	Leu	Gln	Ala	Ala	Gly	Leu	Arg	Thr	
	305					310					315					320	
	Gly	Pro	Gln	Ala	Ser	Pro	Val	Val	Ser	Val	Ile	Leu	Asp	Asp	Val	Ala	
					325					330		-			335		
	Val	Ala	Val	Ala	Phe	Trp	Asn	Arg	Leu	Leu	Asp	Leu	Gly	Val	Tyr	Val	
				340					345					350			
	Asn	Leu	Ser	Leu	Pro	Pro	Ala	Thr	Pro	Asp	Gln	His	Pro	Leu	Leu	Arg	
			355					360					365	•			
	Thr	Ser	Val	Met	: Ala	Thr	His	Thr	Pro	Glu	Gln	Ile	Asp	Arg	Ala	Val	
		370	1				375					380)				
	Glu	Ile	Phe	Ala	ı Val	Val	Ala	Gly	Glu	Met	: G13	, Ile	e Asr	n Arg	Ala	ı Ala	
	385			-		390)				395	5				400	
	<21	0>		3													
	<21	1>		30													
	<21	.2>		DNA												•	
	<21	3>		Art	ific	ial	Seque	ence									
	<40	0>		3													
	ctg	gct	gcct	gta	tcgt	ctc	tctca	aagc	ag								30
	<21	LO>		4	-												
	<2 1	11>		30				•									
	< 21	12>		DNA													
	<2 3	13>		Art	ific	ial	Sequ	ence									
	< 4(<00		4													





【図面の簡単な説明】

【図1】

PstIを用いてクローニングされたグルコンアセトバクター・エンタニイ由来の遺伝子断片 (PP1) の制限酵素地図と酢酸耐性遺伝子の位置、及びPSP Tへの挿入断片の概略図。

【図2】

酢酸耐性遺伝子のコピー数を増幅した形質転換株の培養経過を示す図面。

[図3]

本酢酸耐性遺伝子がコードするタンパク質のアミノ酸配列(配列番号2)を示す。

【図4】

プライマー1を示す。

【図5】

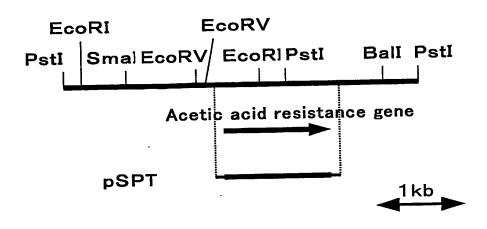
プライマー2を示す。



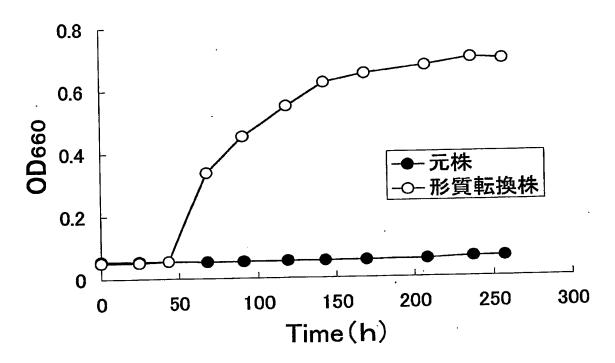
【書類名】

図面

【図1】



【図2】





【図3】

MetSerIlePheSerLysTyrGluGlyLeu AlaSerAlaLeuSerAlaValThrAlaAsp	20
GlyGlyArgAsnProPheAsnValValIle GluLysProIleSerSerThrValGlyLeu	40
IleGluGlyArgGluThrLeuLeuPheGly ThrAsnAsnTyrLeuGlyLeuSerGlnSer	60
ProAlaAlaIleGluAlaAlaValGluAla AlaArgAlaTyrGlyValGlyThrThrGly	80
SerArgIleAlaAsnGlyThrGlnGlyLeu HisArgGlnLeuGluGluArgLeuCysThr	100
PhePheArgArgArgHisCysMetValPhe SerThrGlyTyrGlnAlaAsnLeuGlyThr	120
IleSerAlaLeuAlaGlyLysAspAspTyr LeuLeuLeuAspAlaAspSerHisAlaSer	140
IleTyrAspGlySerArgLeuGlyHisAla GlnValIleArgPheArgHisAsnAspAla	160
AspAspLeuHisLysArgLeuArgArgLeu AspGlyThrProGlyAlaLysLeuValVal	180
ValGluGlyIleTyrSerMetMetGlyAsp ValValProMetAlaGluPheAlaAlaVal	200
LysArgGluThrGlyAlaTrpLeuLeuAla AspGluAlaHisSerValGlyValMetGly	220
GluHisGlyArgGlyValAlaGluSerAsp GlyValGluAspAspValAspPheValVal	240
GlyThrPheSerLysSerLeuGlyThrVal GlyGlyTyrCysValSerAsnHisAlaGly	260
LeuAspLeuIleArgLeuCysSerArgPro TyrMetPheThrAlaSerLeuProProGlu	280
VallleAlaAlaThrMetAlaAlaLeuThr GluLeuGluAsnArgProGluLeuArgVal	300
$Arg Leu Met Asp Asn Ala Arg Arg Leu His\ Asp Gly Leu Gln Ala Gly Leu Arg Thrusham Control of the Control of t$	320
GlyProGlnAlaSerProValValSerVal IleLeuAspAspValAlaValAlaValAla	340
PheTrpAsnArgLeuLeuAspLeuGlyVal TyrValAsnLeuSerLeuProProAlaThr	360
ProAspGlnHisProLeuLeuArgThrSer ValMetAlaThrHisThrProGluGlnIle	380
AspArgAlaValGluIlePheAlaValVal AlaGlyGluMetGlyIleAsnArgAlaAla	400

【図4】

5'-CTGGCTGCCTGTATCGTCTCTCAAGCAG-3'

【図5】

5'-ACGGCTGCAGCTGGTCTGCCTGCCGTATCT-3'



【書類名】

要約書

【要約】

【課題】 酢酸菌の酢酸耐性に関与する新規な遺伝子を提供すること、及び該遺伝子を用いて微生物、特に酢酸菌の酢酸耐性を向上させる方法、さらに酢酸耐性が向上した酢酸菌を用いて、より高酢酸濃度の食酢を効率良く製造する方法を提供する。

【解決手段】 酢酸菌の染色体DNAライブラリーから、通常は増殖できない酢酸濃度の培地でも増殖を可能にさせる遺伝子を取得する方法により、グルコンアセトバクター属に属する実用酢酸菌から酢酸耐性を実用レベルで向上させる機能を有する新規な遺伝子をクローニングした。また、該遺伝子を酢酸菌に導入した形質転換株においては、顕著に酢酸耐性が向上し、エタノール存在下で該形質転換株を通気培養した場合に、増殖誘導期を短縮させ、増殖速度も向上させることができ、さらに最終到達酢酸濃度を顕著に向上させることを可能とした。

【選択図】 なし



出願人履歴情報

識別番号

[398065531]

1. 変更年月日

1998年10月20日

[変更理由]

新規登録

住 所

愛知県半田市中村町2丁目6番地

氏 名

株式会社ミツカングループ本社